

Szczecin , dnia 22.05.2020 r.

Sygnatura sprawy 7-2/II2.0/2020

Dotyczy zapytania o cenę nr 7-2/II2.0/2020 na wykonanie usługi sekwencjonowania 35 -38 genomów bakteriofagów o zmiennej długości sekwencji nukleotydowej (w zakresie ~50-100kb).

Pytanie 1

Czy Zamawiający dopuszcza złożenie oferty na wykonanie analizy sekwencjonowania DNA z użyciem technologii długich odczytów Nanopore?

Odpowiedź:

Niestety, technologia nanopore nie jest brana uwagę, jednostka zgłaszająca posiada sekwenator produkowany przez oxford nanopore, projekt bazuje na sekwencjonowaniu hybrydowym, gdzie sekwencje z dwóch różnych platform będą składane w całość.

Pytanie 2

Jaka jest pożądana konfiguracja sekwencjonowania (tj. długość odczytów- e.g. 2x150pz, 2x300pz).

Odpowiedź:

Sekwencjonowanie w trybie sparowanych odczytów (tzw. paired ends), np. 2 x 250 pz,, 2x150pz, 2x300pz

Pytanie 3

Jaka jest zamierzana głębokość sekwencjonowania (ilość danych na próbkę)

Odpowiedź:

Pokrycie genomu > 50

Pytanie 4

W ilu partiach wysyłane będą próbki?

Odpowiedź:

Próbki wysyłane w partiach 3-5 genomów, bądź do ustalenia z wykonawcą

Pytanie 5

Czy Zamawiającemu chodzi o przygotowanie bibliotek zgodnie z opisanym skrótowo powyżej przez Wykonawcę protokołem? Jeśli tak, to czy Zamawiający zgadza się na powszechnie stosowaną w tym przypadku fragmentację enzymatyczną, jak np. w zestawach Illumina Nextera XT lub Vazyme TruePrep Library Prep Kit for Illumina? Jeśli Zamawiający oczekuje

przygotowania bibliotek wedle innego, konkretnego protokołu, to Wykonawca prosi o jego sprecyzowanie - np. producenta lub dokładny opis procedury jeśli wykracza ona ponad te dostępne na rynku, np. została stworzona w oparciu o dane literaturowe.

Odpowiedź:

Zamawiającemu chodzi o przygotowanie bibliotek zgodnie z opisanym skrótowo protokołem. Zamawiający zgadza się na powszechnie stosowaną w tym przypadku fragmentację enzymatyczną, jak np. w zestawach Illumina Nextera XT lub Vazyme TruePrep Library Prep Kit for Illumina.

Pytanie 6

Czy Zamawiający ma jakieś oczekiwania co do parametrów sekwencjonowania, np. ilość uzyskanych odczytów na próbkę lub pokrycie?

Odpowiedź:

Pokrycie genomu > 50